

# 基于遗传算法的指纹图匹配算法及应用\*

漆远 田捷 邓翔

(中国科学院自动化研究所人工智能实验室 北京 100080)

E-mail: tian@readchina.com

**摘要** 自动指纹识别系统因其在身份确认方面所具有的方便、快速、准确等特点而得到了广泛的研究. 该文利用分层匹配的思想, 提出了一种根据指纹细节点结构特征进行初匹配的算法, 并将遗传算法应用于更高层次的点模式匹配问题中. 该方法在自动指纹识别应用中取得了较好的结果.

**关键词** 遗传算法, 细节特征, 指纹匹配.

**中图法分类号** TP18

自动指纹识别系统(automated fingerprint identification system, 简称 AFIS)有着广泛的应用背景. 除了传统的在公安领域的应用, 自动指纹识别系统还可作为计算机操作系统确认用户的手段以及访问网络资源的口令. 另外, 它可作为嵌入式系统用于银行 ATM 卡和信用卡的确认以及各类智能 IC 卡的双重确认, 还可用于雇员证明、海关身份鉴定、家用电子门锁等许多方面.

目前, 自动指纹识别系统主要包括两个方面, 指纹分类和指纹细节匹配.

根据指纹脊或谷的整体流向的模式, 指纹被分成五大类型: 尖拱类、拱类、左环类、右环类和旋涡类. 指纹分类的主要目的是方便大容量指纹库的管理, 加速指纹的搜索匹配. 尽管许多研究者对指纹分类问题已做了大量的工作, 但在自动指纹识别系统的研究中, 如何减小分类的误识率至今仍是一个难点.

指纹匹配用以判断两个指纹是否属于同一个人. 指纹匹配一般是基于指纹的细节特征. 美国国家标准局提出了用于指纹匹配的 4 种特征: 脊末梢、分岔点、复合特征(三分岔或交叉点)与未定义. 目前最常用的细节特征是 FBI 提出的细节点坐标模型. 它利用脊末梢与分支点这两种关键点来鉴定指纹, 如图 1 所示. 本文主要针对指纹匹配问题提出了一种全新的算法, 该算法利用指纹图的结构信息进行初匹配, 然后在此基础上采用遗传算法与补偿算法来匹配指纹图. 该算法有较强的抵抗噪声与非线性变形的能力, 不依赖于指纹图像的中心区域, 可识别残缺指纹.

本文第 1 节对指纹匹配算法作了较为全面的综述. 第 2 节详细描述了

我们提出的匹配算法, 包括两部分初匹配算法和如何使用遗传算法匹配指纹图两部分. 第 3 节给出了实验结果. 第 4 节总结全文.

## 1 指纹匹配的方法综述

文献中已有不少有关指纹匹配的算法, 其中许多是基于点匹配算法的. 点匹配算法是假设通过某些变换(如平移变换、旋转变换、伸缩变换)可以把两个点集中的对应点匹配起来<sup>[1~10]</sup>. Ranade 与 Rosenfeld 提出了点匹

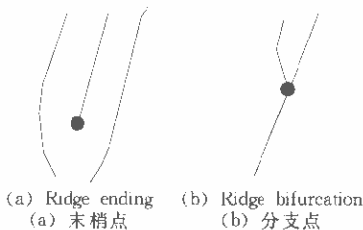


Fig. 1 Two kinds of minutiae  
图 1 两种细节点

\* 本文研究得到国家自然科学基金(No. 69875019)资助. 作者漆远, 1974 年生, 硕士, 主要研究领域为模式识别, 图像处理. 田捷, 1960 年生, 博士后, 研究员, 博士生导师, 主要研究领域为模式识别与管理信息系统, 计算机网络与多媒体技术. 邓翔, 1973 年生, 硕士生, 主要研究领域为图像处理, 模式识别.

本文通讯联系人: 田捷, 北京 100080, 中国科学院自动化研究所人工智能实验室

本文 1998-11-05 收到原稿, 1999-05-17 收到修改稿

的松弛算法<sup>[1]</sup>.该方法定义点集  $L_1 = P_1, \dots, P_m$  与点集  $L_2 = Q_1, \dots, Q_m$ . 对于一对匹配  $(P_i, Q_j)$  (其中点  $P_i \in L_1$  与点  $Q_j \in L_2$ ) 定义两个点集的一个相对变换  $TR_{ij}$ . 根据在  $TR_{ij}$  变换下两个点集中其余点的匹配程度, 计算  $TR_{ij}$  的可靠度. 如果存在一个变换  $TR_0$  使点集  $L_1$  与点集  $L_2$  合理地匹配, 则当某个  $TR_{ij} \approx TR_0$  时,  $TR_{ij}$  的可靠度较大而其他变换匹配的可靠度较小. 可靠度将迭代计算, 在重复计算时, 其他变换匹配的可靠度将加权影响正被计算的可靠度的值. 迭代结束时, 对应于  $TR_0$  的变换匹配的可靠度保持较大的值, 而其他变换匹配的可靠度变得较小. 该方法因为需要反复迭代计算可靠度, 所以速度较慢.

Stockman 等人提出的基于 Hough 变换的方法把点模式匹配转化成了对转换参数的 Hough 空间中峰值的检测<sup>[2]</sup>. 这种方法的相对缺点在于, 当细节点较少 (少于 30 个) 时, 很难在 Hough 空间中积累起足够大的证据来保证一个可靠的匹配. 另外, 该方法有计算量较大的缺点. J. P. Starink 与 E. Backer 从能量最小化的角度描述点匹配问题, 并使用了模拟退火的方法<sup>[3]</sup>. 该方法的计算量也较大.

Rand 研究所的 Ratkovic 提出了更细致的指纹特征模型<sup>[4]</sup>. 该模型区分 10 种不同的指纹特征. 在此基础上, J. H. Liu 等人采用在指纹图上叠加栅格并对特征的分布进行编码的方法来识别特征<sup>[5]</sup>.

Sparrows<sup>[6]</sup> 与 A. K. Hrechak<sup>[7]</sup> 等人都提出了基于结构信息的指纹特征匹配, 而 D. K. Isenor 与 S. G. Zaky 使用图来表示指纹特征, 并用图匹配的方法来匹配指纹图<sup>[8]</sup>. 这些方法都利用了指纹图中的拓扑结构信息, 用来克服指纹图的噪声、旋转与变形对识别的干扰.

S. Sobajic 等人描述了 3 种指纹匹配的方法<sup>[9]</sup>. 一种是利用光学仪器实现两幅指纹图的相关性计算. 该方法速度快, 但实现的价格昂贵并且不宜携带. 另一种是 PCA (principal component analysis) 方法, 在图像识别中即 KL (Karhunen-Loeve) 变换. 该方法在指纹识别中的效果不理想, 原因是指纹图中的特征是松散定义的, 并且有大量的伪特征存在. 还有一种是 Baldi-Chauvin 的神经网络算法. 该方法简单、鲁棒性好, 但计算代价非常大.

我们提出的算法本质上是一种改进的点匹配算法, 但它同时利用了指纹图的结构信息, 并采用补偿算法来抵消非线性小偏移的累积效应, 因而有较强的抵抗噪声与非线性变形的能力. 初匹配算法的引入则提高了匹配速度.

## 2 基于遗传算法的指纹图匹配算法

两幅指纹图的匹配, 主要是解决旋转、平移和形变等问题. 指纹匹配的输入是两个关键点的点集  $P$  与  $Q$ . 其中一个点集  $P$  是从输入的指纹图中提取出来的, 另一个点集  $Q$  则预先从标准的指纹图中提取出来, 存储在模板库中. 我们把这两个点集分别表示为

$$P = \{(x_1^p, y_1^p, a_1^p), \dots, (x_N^p, y_N^p, a_N^p)\},$$

$$Q = \{(x_1^q, y_1^q, a_1^q), \dots, (x_L^q, y_L^q, a_L^q)\}.$$

其中  $(x_i^p, y_i^p, a_i^p)$  记录了点集  $P$  中第  $i$  个关键点的 3 条信息:  $X$  坐标,  $Y$  坐标与方向. 假设如果两幅指纹图可以完全匹配起来, 则可通过对输入的指纹图作某些变换 (旋转、平移与伸缩) 得到模板中的指纹图. 因此, 点集  $P$  可以通过旋转、平移与伸缩等变换近似成点集  $Q$ , 其中某些点可能被噪音偏移, 还有一些点被添加或删除. 这样, 对两幅指纹图的匹配就转换成了发现某种变换, 使得两个点集可以较好地匹配. 由于我们不知道这两幅指纹图是否来自同一个手指的按印, 所以我们试图寻找使两个点集中的点尽可能多的匹配的变换. 如果两个点不仅距离相近而且方向基本一致, 则认为这两个点匹配. 在每个点集中可能均有无法与另一个点集中的点通过变换而匹配的点.

由于我们所使用的指纹图大小基本一致, 故在变换中忽略了伸缩因子. 类似地, A. Jain 等人在其指纹匹配算法中同样忽略了伸缩因子<sup>[10]</sup>.

设点集  $P$  中某一点的坐标为  $(x_i^p, y_i^p)$ , 经过变换后为  $(x_i^T, y_i^T)$ :

$$\begin{pmatrix} x_i^T \\ y_i^T \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \cos\theta & -\sin\theta & \Delta x \\ \sin\theta & \cos\theta & \Delta y \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_i^p \\ y_i^p \\ 1 \end{pmatrix}. \quad (1)$$

其中,  $\Delta x$  与  $\Delta y$  是点的平移因子,  $\theta$  则是旋转因子. 为了求出这 3 个因子, 只需确定 3 组对应点匹配. 这样, 原来求最佳变换就变成了求 3 组最佳的对应点匹配, 由这 3 组对应点匹配确定的变换因子使两个点集的匹配尽可能好.

我们采用遗传算法来求这 3 组最佳的对应点匹配. 每一个个体代表 3 组对应点匹配, 利用进化可以得到最佳的 3 组对应点匹配. 但是, 如果对每一个个体我们都随机地从两个点集中分别取 3 个点加以匹配, 算法的搜索空间将很大(如果两个点集分别有  $N$  和  $M$  个点, 则可以构成  $C_N^3 \times C_M^3 \times P_3^3$  种不同的个体), 可能进化很多代后才能找到最佳的 3 组对应点匹配. 因此, 我们首先构造一些与变换无关的结构信息, 利用这些结构信息对关键点进行一次初匹配, 产生  $L$  个对应点的匹配 ( $L < N, L < M$ ), 然后再从这些对应点中随机挑选 3 组构成一个个体. 算法从这样构成的个体开始进化. 经过这样处理后, 搜索空间大大减少, 初始个体也比原来完全随机产生的个体更好, 算法效率可以有效地提高.

### 2.1 关键点的初匹配

对于每个关键点  $A$ , 在指纹图上寻找与其最近的两个关键点. 其中一个记为  $R$ , 另一个记为  $S$ . 把点  $A$ 、点  $R$  与点  $S$  的类型(末梢点或分支点)分别记为  $nType1, nType2$  与  $nType3$ . 把连接点  $A$  与点  $R$ 、点  $A$  与点  $S$ 、点  $R$  与点  $S$  的 3 条虚拟的线段所跨越的脊线数分别记为  $nCrossNum1, nCrossNum2$  和  $nCrossNum3$ . 我们把点类型信息与跨越脊线数记入点  $A$  的对象中.

如果  $A$  属于点集  $P, B$  属于点集  $Q$ , 并且下式

$$(A.nType1 == B.nType1) \text{ and } (A.nType2 == B.nType2) \text{ and } (A.nType3 == B.nType3) \text{ and } ((abs(A.nCrossNum1 - B.nCrossNum1) + abs(A.nCrossNum2 - B.nCrossNum2) + abs(A.nCrossNum3 - B.nCrossNum3)) < 2)$$

成立, 则认为点  $A$  与点  $B$  初匹配成功.

这里, 在判断两点的对应跨越脊线数是否相等时, 留下了一定的松弛量, 使算法可以容忍一定的噪声干扰. 我们把所有初匹配的结果记录在两个二元数组 STORE 中, 其中 STORE[i] 是一个二元组  $(j, h)$ , 标志着点集  $P$  中第  $j$  个点与点集  $Q$  中第  $h$  个点匹配.

上述初匹配方法与变换无关, 并且由于利用了指纹图的结构信息, 因而可以容忍一定程度的指纹图的变形、噪声等干扰.

### 2.2 用遗传算法匹配关键点

我们利用遗传算法从初匹配产生的对应点匹配中, 选择出最好的 3 组对应点匹配.

我们设计个体串为一个三维数组, 数组的每一个元素表示着数组 STORE 中的一个二元组, 即代表着一组对应点匹配:

```
struct Chromo
{
    int nMatch[3];
}
```

对个体的适应值计算如下:

- (I) 首先根据  $nMatch[i] (0 < i < 2)$  在二元数组 STORE 中找到 3 组对应点;
- (II) 根据这 3 组对应点计算出变换方程(1)中的平移因子  $\Delta x, \Delta y$  与旋转因子  $\theta$ ;
- (III) 然后变换输入的点集  $P$  中所有的点, 计算变换后得到的点集  $T$  与点集  $Q$  中匹配的点的个数 PairNum.

如果点集中  $T$  的某个点和点集  $Q$  中的某个点的  $X$  轴坐标值差、 $Y$  轴坐标值差及方向差均小于设定阈值, 则判断这两点匹配.

由于指纹图存在着非线性变形, 图中局部的较小的偏差可能逐步累积成很大的偏差. 为此, 我们设计了补偿算法来抵消或减小这种累积偏差:

- (1) 在判断点集  $T$  与点集  $Q$  中的第 1 组点是否匹配时, 计算  $X$  轴坐标值差  $subX_1, Y$  轴坐标值差  $subY_1$ , 方向差  $subRad_1$ , 如果  $subX_1, subY_1$  与  $subRad_1$  都小于设定的阈值, 则判断这两点匹配;

(2) 如果第 1 组点匹配成功,在判断第 2 组点是否匹配时,将两点的  $X$  轴坐标值差减去  $subX_1$  得到  $subX_2$ ,  $Y$  轴坐标值差减去  $subY_1$  得到  $subY_2$ , 方向差减去  $subRad_1$  得到  $subRad_2$ ; 如果  $subX_2, subY_2$  与  $subRad_2$  都小于设定的阈值, 则判断这两点匹配;

(3) 在判断第  $i$  组点是否匹配时, 将两点的  $X$  轴坐标值差减去  $\sum_{k=0}^{i-1} subX_k$  得到  $subX_i$ ,  $Y$  轴坐标值差减去  $\sum_{k=0}^{i-1} subY_k$  得到  $subY_i$ , 方向差减去  $\sum_{k=0}^{i-1} subRad_k$  得到  $subRad_i$ ; 如果  $subX_i, subY_i$  与  $subRad_i$  都小于设定的阈值, 则判断这两点匹配。

(4) 该个体的适应值 =  $PairNum /$  点集  $P$  的个数  $N$ 。

根据实验结果分析, 我们在遗传算法里对个体的选择没有采用轮盘赌的方法, 而是采用其他选择方法来加快进化速度, 如下代码所示:

```
nTempSum = 0;
fSum = (1 + nPOP_SIZE) * nPOP_SIZE / 2;
for (i = 0; i < nPOP_SIZE; i++)
{
    nTempSum += nPOP_SIZE - i;
    m_fSurvFitArr[i] = nTempSum / fSum;
}
for (i = 0; i < nPOP_SIZE; i++)
{
    if (fRand <= m_fSurvFitArr[i])
        break;
}
```

最后选择在所有个体的适应值中其适应值为第  $i$  大的个体。

与轮盘赌方法相比, 上述方法在个体适应值差别不大的情况下加大了选择适应值较大的个体的可能性, 从而促进了群体的进化。

这里的复制算子也没有在群体中对个体加以随机选择, 而是在每代中直接保留了上一代中适应值最高的那些个体, 以确保在进化过程中的每一代中都有当前最好的个体。

杂交算子对两个从群体中选择到的个体进行如下操作:

记父代的两个个体为  $parentChrom1$  和  $parentChrom2$ , 记子代的两个个体为  $childChrom1$  与  $childChrom2$ ;

产生一个  $0 \sim 2$  之间的随机数  $j$ ;

$childChrom1.nMatch[i] = parentChrom1.nMatch[i]$  ( $0 < i < 2, i \neq j$ );

$childChrom1.nMatch[j] = parentChrom2.nMatch[j]$ ;

$childChrom2.nMatch[i] = parentChrom2.nMatch[i]$  ( $0 < i < 2, i \neq j$ );

$childChrom2.nMatch[j] = parentChrom1.nMatch[j]$ 。

这里的方法不是常用的二进制串的一点杂交方式, 而等效于直接地交换二进制串的某个段。这样做是因为个体串中的这些段分别对应着不同的点对匹配, 为了保存好的点匹配对应的模式(schema), 我们限定只能成段地交换, 即直接交换某个数组元素的值。

变异算子则首先在选择到的个体串中随机地选择某个数组元素  $nMatch[i]$  的值 ( $i$  是  $0 \sim 2$  之间的随机数), 然后再随机地改变  $nMatch[i]$  的值。

我们取杂交率  $p_c$  为  $0.7$ , 变异率  $p_m$  为  $0.2$ , 复制率  $p_r$  为  $0.1$ , 群体规模  $N$  为  $64$ 。

而进化代数则由个体适应值和设定的最大进化代数  $ITERATION\_NUM$  来控制。若最好的个体适应值已符合要求 (即大于设定的阈值, 实验中我们取阈值为  $0.80$ ), 则停止进化, 把这两幅指纹图判断为匹配, 并输出最好的个体适应值, 将其作为匹配的可信度; 若进化代数大于  $ITERATION\_NUM$  (实验中我们设  $ITERATION\_NUM$  的值为  $60$ ) 代后, 最好的个体适应值仍不符合要求, 则停止进化, 并把这两幅指纹图判断为不匹配。

上述识别算法不仅可以识别指纹图旋转和平移参数,而且有较强的抵抗噪声和变形的能力.该算法也不依赖于指纹图的中心区域,可识别残缺指纹.

### 3 实验结果

我们在由美国国家标准技术局提供的 NIST-14 指纹库中的近 2 000 幅指纹图像中随机抽取了 100 对指纹图测试算法.在每一对指纹图中,一幅作为模板(如图 2 所示),提取特征后存入指纹数据库中,另一幅被随机加入局部高斯噪声并作为待鉴定的指纹图(如图 3 所示).对这 100 对指纹图作交叉鉴定,实验结果为零误识,拒识率为 2%.

上面的测试的结果充分反映了该算法对噪声和变形有较强的抵抗能力,可识别残缺指纹.



Fig. 2 Fingerprint pattern

图 2 模板指纹



Fig. 3 Being identified fingerprint

图 3 待鉴定的指纹

### 4 总结

在本文中,我们设计了一种全新的不依赖图像中心区域的快速的指纹匹配算法.我们采用遗传算法来解决指纹图的点匹配问题,并引入初匹配算法来缩小搜索空间,有效地提高了匹配速度.本文利用指纹图像的脊线分布等结构信息,使指纹图的初匹配算法与图像的变换无关,并能容忍一定的图像噪声.通过对遗传算法中个体串合理的编码方法,使个体串中好的模式不易在杂交中被破坏掉,从而加快进化速度.另外,本文设计了补偿算法,用以补偿指纹图中由非线性变形带来的小偏差累积.大多数传统的指纹匹配算法依赖于指纹图像中心.该算法不依赖于指纹图的中心区域,而且可以很好地抵抗指纹图的噪声与非线性变形,并能识别残缺指纹.

### 参考文献

- Sanjay Ranade, Azriel Rosenfeld. Point pattern matching by relaxation. *Pattern Recognition*, 1980,12(5):269~275
- Stockman G, Kopstein S, Benett S. Matching images to models for registration and object detection via clustering. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1982,4(3):229~241
- Pascual Starink J P, Backer E. Finding point correspondences using simulated annealing. *Pattern Recognition*, 1995,28(2):231~240
- Ratkovic J P. Increasing efficiency in the criminal justice system; the use of new technology for criminal identification and latent print processing. California: The Rand Corporation, 1980
- Liu J H, Lin C H, Osterberg J W *et al.* Fingerprint comparison, II: on the development of a single fingerprint filing and searching system. *Journal of Forensic Science*, 1982,27:305~317
- Sparrow M K, Sparrow P J. A topological approach to the matching of single fingerprints: development of algorithms for use on rolled impressions. National Bureau of Standards Special Publication, Washington, DC: Government Printing Office, 1985. 500~126
- Hrechak A K, Mchugh J A. Automated fingerprint recognition using structural matching. *Pattern Recognition*, 1990,23(8):893~904

- 8 Isenor D K, Zaky S G. Fingerprint identification using graph matching. *Pattern Recognition*, 1986,19(2):113~122
- 9 Srdjan Sobajic, Amit Manwani, Barbastathis G. CNS286 Project: Fingerprint Recognition. Technical Report, California Institute of Technology, 1997
- 10 Jain A, Hong Lin, Bolle R. On-Line fingerprint verification. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1997,19(4):302~313

## Genetic Algorithm Based Fingerprint Matching Algorithm and Its Application in Automated Fingerprint Recognition System

QI Yuan TIAN Jie DENG Xiang

*(Laboratory of Artificial Intelligence Institute of Automation The Chinese Academy of Sciences Beijing 100080)*

**Abstract** Automated fingerprint identification system (AFIS) has been studied widely because it's convenient, quick and exact in personal verification field. In this paper, a fingerprint minutia first-matching method is proposed based on the structural features of minutia, and a genetic algorithm is applied to the further point-matching phase. This method has given good results in automated fingerprint identification system (AFIS).

**Key words** Genetic algorithm, minutia feature, fingerprint matching.